

# CERTIFIED COPY OF PRIORITY DOCUMENT

### VERIFICATION OF TRANSLATION

Patent Application No. 198 198 19846.9

- I. Ursula Scherz
- of Schlesierstr. 8 81669 Rünchen

am the translator of the documents attached and I state that the following is a true translation to the best of my knowledge and belief of German Patent Application No. 198 19-846.9

DATED this 5th

day of March 2001 ED

Signature of translator

Lunga Shuz

Baddigte Übersetterin

Ursula Scherz Schlesierstr 8 81669 München

Egunario anoside

### Certified translation of a priority document

### FEDERAL REPUBLIC OF GERMANY

(coat of arms)

### Certification of Priority on the Filing of a Patent Application

File No.:

198 19 846.9

Date of Filing: May 5, 1998

Applicant/Patentee: Deutsches

Krebsforschungszentrum

Stiftung des öffentlichen Rechts,

Heidelberg, Neckar/Germany

Title:

Multivalent Antibody Constructs

IPC:

C 07 K, A 61 K, C 12 N

The attached sheets are a true and exact reproduction of the original documents of this patent application.

München, February 8, 2001

### German Patent and Trademark Office The President

Seal:

by order

German Patent and

(signature)

Trademark Office

Wehner

Applicant: Deutsches Krebsforschungszentrum

Attorney's File: K 2534 - hu /A

#### Multivalent Antibody Constructs

The present invention relates to multivalent  $F_{\nu}$  antibody constructs, expression plasmids which code for them, and a method for producing the  $F_{\nu}$  antibody constructs as well as the use thereof.

Natural antibodies are dimers and are therefore referred to as bivalent. They have four variable domains, namely two  $V_{\text{H}}$ domains and two  $V_{\mathtt{L}}$  domains. The  $\{variable\ domains\ serve\ as\ \}$ binding sites for an antigen, a binding site being formed from a  $V_{\text{H}}$  domain and a  $V_{\text{L}}$  domain. Natural antibodies recognize one antigen each, so that they are also referred to as monospecific. Furthermore, they also have constant which add to the stability of the domains antibodies. On the other hand, they are also co-responsible for undesired immune responses which result when natural animal species are administered antibodies of various mutually.

In order to avoid such immune responses, antibodies are constructed which lack the constant domains. In particular, these are antibodies which only comprise the variable domains. Such antibodies are designated  $F_{\nu}$  antibody constructs. They are often available in the form of single-chain monomers paired with one another.

However, it showed that  $F_{\nu}$  antibody constructs only have little stability. Therefore, their usability for therapeutic purposes is strongly limited.

Thus, it is the object of the present invention to provide an antibody by means of which undesired immune responses can be avoided. Furthermore, it shall have a stability which makes it usable for therapeutic uses.

According to the invention this is achieved by the subject matters defined in the claims.

Therefore, the subject matter of the present invention relates to a multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct which has great stability. Such a construct is suitable for diagnostic and therapeutic purposes.

The present invention is based on the applicant's insights that the stability of an  $F_{\nu}$  antibody construct can be increased if it is present in the form of a single-chain dimer where the four variable domains are linked with one another via three peptide linkers. The applicant recognized that the  $F_{\nu}$  antibody construct folds with itself when the middle peptide linker has a length of about 10 to 30 amino acids. The applicant also recognized that the  $F_{\nu}$ antibody construct folds with other  $F_{\nu}$  antibody constructs when the middle peptide linker has a length of about up to so as to obtain a multimeric, amino acids also multivalent, F<sub>v</sub> antibody construct. The applicant realized that the  $F_{\rm v}$  antibody construct can be multispecific.

According to the invention the applicant's insights are utilized to provide a multi-valent  $F_{\nu}$  antibody construct

which comprises at least four variable domains which are linked with one another via peptide linkers 1, 2 and 3.

The expression "F  $_{\!v}$  antibody construct" refers to an antibody which has variable domains but no constant domains.

The expression "multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct" refers to an  $F_v$  antibody which has several, but at least variable domains. This is achieved when the single-chain  $F_{\mathbf{v}}$ antibody construct folds with itself so as to give four variable domains, or folds with other single-chain F<sub>v</sub> antibody constructs. In the latter case, an  $F_{\nu}$  antibody construct is given which has 8, 12, 16, etc., variable domains. It is favorable for the  $F_{\nu}$  antibody construct to have four or eight variable domains, i.e. it is bivalent or tetravalent (cf. Fig. 1). Furthermore, the variable domains may be equal or differ from one another, so that antibody construct recognizes one or several antigens. antibody construct preferably recognizes one or two antigens, i.e. it is monospecific and bispecific, respectively. Examples of such antigens are proteins CD19 and CD3.

The expression "peptide linkers 1, 3" refers to a peptide linker adapted to link variable domains of an  $F_{\nu}$  antibody construct with one another. The peptide linker may contain any amino acids, the amino acids glycine (G), serine (S) and proline (P) being preferred. The peptide linkers 1 and 3 may be equal or differ from each other. Furthermore, the peptide linker may have a length of about 0 to 10 amino acids. In the former case, the peptide linker is only a peptide bond from the COOH residue of one of the variable domains and the NH $_2$  residue of another of the variable domains. The peptide linker preferably comprises the amino acid sequence GG.

The expression "peptide linker 2" refers to a peptide linker adapted to link variable domains of an  $F_{\nu}$  antibody construct with one another. The peptide linker may contain any amino acids, the amino acids glycine (G), serine (S) and proline (P) being preferred. The peptide linker may also have a length of about 3 to 10 amino acids, in partiuclar 5 amino acids, and most particularly the amino acid sequence GGPGS, which serves for achieving that the single-chain  $F_{\nu}$  antibody with other single-chain  $\mathbf{F}_{\mathbf{v}}$ folds constructs. The peptide linker can also have a length of about 11 to 20 amino acids, in particular 15 to 20 amino acids, and most particularly the amino acid sequence  $(G_4S)_4$ , which serves for achieving that the single-chain  $F_{\boldsymbol{\nu}}$  antibody construct folds with itself.

An  $F_v$  antibody construct according to the invention can be produced by common methods. A method is favorable in which DNAs coding for the peptide linkers 1, 2 and 3 are ligated with DNAs coding for the four variable domains of an  $F_v$  antibody construct such that the peptide linkers link the variable domains with one another and the resulting DNA molecule is expressed in an expression plasmid. Reference is made to Examples 1 to 5. As to the expressions " $F_v$  antibody construct" and "peptide linker" reference is made to the above explanations and, by way of supplement, to Maniatis, T. et al., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory 1982.

DNAs which code for an  $F_{\nu}$  antibody construct according to the invention also represent a subject matter of the present invention. Furthermore, expression plasmids which contain such DNAs also represent a subject matter of the present invention. Preferred expression plasmids are pDISC3x19-LL,

pDISC3x19-SL, pPIC-DISC-LL, and pPIC-DISC-SL.

They were deposited with the DSMZ (Deutsche Sammlung für Mikroorganismen und Zellen) [Germantype collection for micro-organisms and cells] on April 30, 1998 under DSM 12150, DSM 12149, DSM 12152 and DSM 12151, respectively.

Another subject matter of the present invention relates to a kit, comprising:

- (a) an  $F_{\nu}$  antibody construct according to the invention, and/or
- (b) an expression plasmid according to the invention, and
- (c) conventional auxiliary agents, such as buffers, solvents and controls.

One or several representatives of the individual components may be present.

The present invention provides a multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct where the variable domains are linked with one another via peptide linkers. Such an antibody construct distinguishes itself in that it contains no parts which can lead to undesired immune reactions. Furthermore, it has great stability. It also enables to bind several antigens simultaneously. Therefore, the  $F_{\nu}$  antibody construct according to the invention is perfectly adapted to be used not only for diagnostic but also for therapeutic purposes. Such purposes can be seen as regards any disease, in particular a viral, bacterial or tumoral disease.

#### Brief description of the drawings:

- Fig. 1 shows the genetic organization of an  $F_{\nu}$  antibody construct (A) according to the invention and schemes for forming a bivalent (B) or tetravalent  $F_{\nu}$  antibody construct (C). Ag: antigen; His<sub>6</sub>: six C-terminal histidine residues; stop: stop codon (TAA);  $V_H$  and  $V_L$ : variable region of the heavy and light chains.
- Fig. 2 shows the scheme for the construction of the plasmids pDISC3x19-LL and pDISC3x19-SL. c-myc: sequence coding for an epitope which is recognized by the antibody 9E1, His6: sequence which codes for six C-terminal histidine residues; PelB: signal peptide sequence of the bacterial pectate lyase (PelB leader); rbs: ribosome binding site; Stop: stop codon (TAA);  $V_H$  and  $V_L$ : variable region of the heavy and light chains.
- Fig. 3 shows a diagram of the expression plasmid pDISC3x19-LL. 6xHis: sequence which codes for six C-terminal histidine residues; bla: gene which codes for β-lactamase responsible for ampicillin resistance; bp: base pairs; c-myc: sequence coding for an epitope which is recognized by the 9E10 antibody; ColE1: origin of the DNA replication; f1-IG: intergenic region of the bacteriophage f1; Lac P/O: wt lacoperon promoter/operator; linker 1: sequence which codes for a GlyGly dipeptide linking the V<sub>H</sub> and V<sub>L</sub> domains; linker 2: sequence coding for a (Gly4Ser)4 polypeptide which links the hybrid scFv fragments; Pel-B leader: signal peptide sequence of the bacterial pectate lyase; rbs: ribosome binding site; V<sub>B</sub> and V<sub>L</sub>: variable region of the heavy and light chains.
- Fig. 4 shows a diagram of the expression plasmid pDISC3x19-SL. 6xHis: sequence which codes for six C-terminal histidine

residues; bla: gene which codes for ß-

pairs;

c-myc: sequence coding for an epitope recognized by the 9E10 antibody; ColE1: origin of DNA replication; intergenic region of the bacteriophage f1; Lac P/O: wt lacoperon promoter/operator: linker 1: sequence which codes for a GlyGly dipeptide which links the VH and VL domains; linker 3: sequence which codes for a GlyGlyProGlySer oligopeptide which links the hybrid scFv fragments; Pel-B leader: signal peptide sequence of the bacterial pectate lyase; ribosome binding site;  $V_H$  and  $V_L$ : variable region of the heavy and light chains.

Fig. 5 shows the nucleotide sequence and the amino acid sequence derived therefrom of the bivalent  $F_{\nu}$  antibody construct encoded by the expression plasmid pDIS3x19-LL. cmyc epitope: sequence coding for an epitope which is recognized by the antibody 9E10; CDR: region determining the complementarity; framework: framework region; His6 tail: sequence which codes for six C-terminal histidine residues; PelB leader: signal peptide sequence of the bacterial pectate lyase; RBS: ribosome binding site;  $V_H$  and  $V_L$ : variable region of the heavy and light chains.

Fig. 6 shows the nucleotide sequence and the derived amino acid sequence of the tetravalent  $F_{\nu}$  antibody construct encoded by the expression plasmid pDISC3x19-SL. epitope: sequence coding for an epitope which is recognized region determining 9E10 antibody; CDR: complementarity; framework: framework region; His6 tail: sequence coding for the six C-terminal histidine residues; leader: signal peptide sequence of the bacterial ribosome binding site;  $V_H$  and  $V_L$ : pectate lyase; RBS: variable region of the heavy and light chains.

Fig. 7 shows the nucleotide sequence and the derived amino acid sequence of a connection between a gene which codes for an  $\alpha$ -factor leader sequence and a gene coding for the tetravalent  $F_{\nu}$  antibody construct in the *Pichia* expression plasmid pPIC-DISC-SL. Alpha-factor signal: leader peptide sequence of the *Saccharomyces cerevisiae-* $\alpha$  factor secretion signal;  $V_{H}$ : variable region of the heavy chain. Rhombs indicate the signal cleaving sites.

Fig. 8 shows the nucleotide sequence and the derived amino acid sequence of a connection between a gene coding for an  $\alpha$ -factor leader sequence and a gene which codes for the bivalent  $F_v$  antibody construct in the *Pichia* expression plasmid pPIC-DISC-LL. Alpha-factor signal: leader peptide sequence of the *Saccharomyces cerevisiae*- $\alpha$  factor secretion signal;  $V_H$ : variable region of the heavy chain. Rhombs show the signal cleaving sites.

The invention is explained by the below examples.

Example 1: Construction of the plasmids pDISC3x19-LL and  $pDISC3x19-SL \ \, \text{for the expression of bivalent,}$  bispecific and/or tetravalent, bispecific  $F_v$  antibody constructs in bacteria

The plasmids pHOG-lphaCD19 and pHOG-dmOKT3 which code for the scFv fragments derived from the hybridoma HD37 which is specific to human CD19 (Kipriyanov et al., 1996, J. Immunol. Meth. 196, 51-62) and from the hybridoma OKT3 which is specific to human CD3 (Kipriyanov et al., 1997, Protein 445-453), respectively, were used construction of expression plasmids for a single-chain  $F_{\boldsymbol{\nu}}$ antibody construct. A PCR fragment 1 of the  $V_{\text{H}}$  domain of anti-CD19, followed by a segment which codes for a GlyGly DP1, using the primers produced was TCACACAGAATTC-TTAGATCTATTAAAGAGGAGAAATTAACC, and DP2, AGCACACGATATCACCGCCAAGCTTGGGTGTTTTTTGGC (cf. Fig. 2). PCR fragment 1 was cleaved by EcoRI and EcoRV and ligated with the EcoRI/EcoRV-linearized plasmid pHOG-dmOKT3 so as to produce the vector pHOG19-3. The PCR fragment 2 of the  $V_{\rm L}$ domain of anti-CD19, followed by a segment which codes for a c-myc epitope and a hexahistidinyl tail, was produced using the primers DP3, 5'-AGCACACAAGCTTGGCGGTGATATCTTGCTCACCCAAAC-TCCA, and DP4, 5'-AGCACACTCTAGAGACACACAGATCTTTAGTGATGGTGAT-GGTGATGTGAGTTTAGG. The PCR fragment 2 was cleaved by HindIII ligated with the HIndIII/XbaI-linearized and XbaI plasmid pHOG-dmOKT3 so as to obtain the vector pHOG3-19 (cf. Fig. 2). The gene coding for the hybrid scFv-3-19 in the plasmid pHOG3-19 was amplified by means of PCR with the 5'-CAGCCGGCCATGGCGCAGGTGCAACTGCAGCAG Bi3sk, either Li-1, 5'-TATATACTGCAGCTGCACCTGGCTACCACCACCACCGGAGCCG-for the production of a long flexible (Gly<sub>4</sub>Ser)<sub>4</sub> inter-scFV linker (PCR fragment 3, cf. Fig. 2) or Li-2, 5'-TATATA-

CTGCAGCTGCACCTGCGACCCTGGGCCACCAGCGCCGCAGCATCAGCCCG, for the production of a short rigid GGPGS linker (PCR fragment 4, The expression plasmids pDISC3x19-LL and 2). Fig. pDISC3x19-SL were constructed by ligating the NcoI/PvuII restriction fragment from pHOG19-3, comprising the vector framework and the NcoI/PvuII-cleaved PCR fragments 3 and 4, respectively (cf. Figs. 3, 4). The complete nucleotide and and the bivalent tetravalent  $F_{\mathbf{v}}$ protein sequences of 5 and 6, indicated in Figs antibody constructs are respectively.

## (A) Construction of pPIC-DISC-SL

The vector pPICZlphaA (Invitrogen BV, Leek, Netherlands) for the expression and secretion of recombinant proteins in the yeast Pichia pastoris was used as a starting material. It contains a gene which codes for the Saccharomyces cerevisiae  $\alpha$ -factor secretion signal, followed by a polylinker. The secretion of this vector is based on the dominant selectable marker, Zeocin™ which is bifunctional in both Pichia and E. coli. The gene which codes for the tetravalent  $F_{\nu}$  antibody construct (scDia-SL) was amplified by means of PCR by the 5-PIC, primers template pDISC3x19-SL using the CCGTGAATTCCAGGTGCAACTGCAGCAGTCTGGGGCTGAACTGGC, pSEXBn The resulting 5'-GGTCGACGTTAACCGACAAACAACAGATAAAACG. and ligated in product was cleaved by EcoRI and XbaI EcoRI/XbaI-linearized pPICZαA. The expression plasmid pPIC-DISC-SL was obtained. The nucleotide and protein sequences of the tetravalent  $F_{\nu}$  antibody construct are shown in Fig. 7.

### (B) Construction of pPIC-DISC-LL

The construction of pPIC-DISC-LL was carried out on the basis of pPICZQA (Invitrogen BV, Leek, Netherlands) and pDISC3x19-LL (cf. Fig. 3). The plasmid-DNA pPICZQA was cleaved by EcoRI. The overhanging 5'-ends were filled using a Klenow fragment of the *E. coli* DNA polymerase I. The resulting DNA was cleaved by XbaI, and the large fragment comprising the pPIC vector was isolated. Analogous thereto the DNA of pDISC3x19-LL was cleaved by NcoI and treated with a Klenow fragment. Following the cleavage using XbaI a small fragment, comprising a gene coding for the bivalent F<sub>V</sub> antibody, was isolated. Its ligation with a pPIC-derived vector-DNA resulted in the plasmid pPIC-DISC-LL. The nucleotide and protein sequences of the bivalent F<sub>V</sub> antibody construct are shown in Fig. 8.

# Example 3: Expression of the tetravalent and/or bivalent $F_{\nu}$ antibody construct in bacteria

E. coli XL1-blue cells (Strategene, La Jolla, CA) which had been transformed with the expression plasmids pDISC3x19-LL and pDISC3x19-SL, respectively, were cultured overnight in 2xYT medium with 50  $\mu$ g/ml ampicillin and 100 mM glucose (2xYT<sub>Ga</sub>) at 37°C. 1:50 dilutions of the overnight cultures in 2xYT<sub>GA</sub> were cultured as flask cultures at 37°C while shaking with 200 rpm. When the cultures had reached an OD<sub>600</sub> value of 0.8, the bacteria were pelleted by 10-minute centrifugation with 1500 g at 20°C and resuspended in the same volume of a fresh 2xYT medium containing 50  $\mu$ g/ml ampicillin and 0.4 M saccharose. IPTG was added up to a

final concentration of 0.1  $\ensuremath{\text{mM}}$ , and the growth was continued at room temperature (20-22°C) for 18 - 20 h. The cells were harvested by 10-minute centrifugation with 5000 g at 4°C. The culture supernatant was held back and stored on ice. In order to isolate the soluble periplasmic proteins, the pelleted bacteria were resuspended in 5 % of the initial volume of ice-cold 50 mM Tris-HCl, 20 % saccharose, 1 mM EDTA, pH 8.0. Following 1 hour of incubation on ice with occasional stirring the spheroplasts were centrifuged with 30,000 g at  $4^{\circ}\text{C}$  for 30 minutes, the soluble periplasmic extract being obtained as supernatant and the spheroplasts with the insoluble periplasmic material being obtained as pellet. The culture supernatant and the soluble periplasmic clarified by and combined were extract 40 min.). The recombinant centrifugation (30,000 g, 4°C, product was concentrated by ammonium sulfate precipitation protein saturation). The 70 concentration (final precipitate was obtained by centrifugation (10,000 g, 4°C, 40 min.) and dissolved in 10 % of the initial volume of 50 mM Tris-HCl, 1 M NaCl, pH 7.0. An immobilized metal affinity chromatography (IMAC) was carried out at 4°C using a 5 ml column of chelating sepharose (Pharmacia) which was charged with  $Cu^{2+}$  and had been equilibrated with 50 mM Tris-HCl, 1 M NaCl, pH 7.0 (starting buffer). The sample was loaded by passing it over the column. It was then washed with twenty column volumes of starting buffer, followed by starting buffer with 50 mM imidazole until the absorption at 280 nm of the effluent was at a minimum (about thirty column volumes). The absorbed material was eluted with 50 mM Tris-HCl, 1 M NaCl, 250 mM imidazole, pH 7.0.

The protein concentrations were determined with the Bradford dye binding test (1976, Anal. Biochem. 72, 248-254) using the Bio-Rad (Munich, Germany) protein assay kit. The

concentrations of the purified tetravalent and bivalent  $F_{\nu}$  antibody constructs were determined from the  $A_{280}$  values using the extinction coefficients  $\epsilon^{lmg/ml}=1.96$  and 1.93, respectively.

Example 4: Expression of the tetravalent and/or bivalent antibody construct in the yeast *Pichia* pastoris

Competent *P. pastoris* GS155 cells (Invitrogen) were electroporated in the presence of 10  $\mu$ g plasmid-DNA of pPIC-DISC-LL and pPIC-DISC-SL, respectively, which had been linearized with SacI. The transformants were selected for 3 days at 30°C on YPD plates containing 100  $\mu$ g/ml Zeocin<sup>TM</sup>. The clones which secreted the bivalent and/or tetravalent  $F_v$  antibody constructs were selected by plate screening using an anti-c-myc-mAk 9E10 (IC Chemikalien, Ismaning, Germany).

For the expression of the bivalent  $F_{\nu}$  antibody constructs and tetravalent  $F_{\mathbf{v}}$  antibody constructs, respectively, the clones were cultured in YPD medium in shaking flasks for 2 days at 30°C with stirring. The cells were centrifuged resuspended in the same volume of the medium containing methanol and incubated for another 3 days at 30°C with supernatants were obtained after The stirring. centrifugation. The recombinant product was isolated by sulfate precipitation, followed by IMAC as ammonium described above.

Example 5: Characterization of the tetravalent  $F_v$  antibody construct and bivalent  $F_v$  antibody construct, respectively,

(A) Size exclusion chromatography

An analytical gel filtration of the  $F_{\nu}$  antibody constructs was carried out in PBS using a superdex 200-HR10/30 column (Pharmacia). The sample volume and the flow rate were 200 The column ml/min, respectively. 0.5 and ul/min low-molecular gel high-molecular and calibrated with filtration calibration kits (Pharmacia).

#### (B) Flow cytometry

The human CD3<sup>+</sup>/CD19<sup>-</sup>-acute T-cell leukemia line Jurkat and for CD19<sup>+</sup>/CD3<sup>-</sup> B-cell line JOK-1 were used cytometrie. 5 x  $10^5$  cells in 50  $\mu$ l RPMI 1640 medium (GIBCO BRL, Eggestein, Germany) which was supplemented with 10 % FCS and 0.1 % sodium azide (referred to as complete medium) were incubated with 100  $\mu l$  of the  $F_{\nu}$  antibody preparations for 45 minutes on ice. After washing using the complete medium the cells were incubated with 100  $\mu$ l 10  $\mu$ g/ml anti-cmyc-Mak 9E10 (IC Chemikalien) in the same buffer for 45 min on ice. After a second wash cycle, the cells were incubated with 100  $\mu l$  of the FITC-labeled goat-anti-mouse-IgG (GIBCO BRL) under the same conditions as before. The cells were then washed again and resuspended in 100  $\mu l$ 1 µg/ml propidium iodide solution (Sigma, Deisenhofen, Germany) in complete medium with the exclusion of dead cells. relative fluorescence of the stained cells was measured using a FACScan flow cytometer (Becton Dickinson, Mountain View, CA).

### (C) Cytotoxicity test

The CD19-expressing Burkitt lymphoma cell line Raji and Namalwa were used as target cells. The cells were incubated in RPMI 1640 (GIBCO BRL) which was supplemented with 10 %

heat-inactivated FCS (GIBCO BRL), 2 mM glutamine and 1 mM pyruvate, at  $37^{\circ}$ C in a dampened atmosphere with  $7.5 \% CO_2$ . The cytotoxic T-cell tests were carried out in RPMI-1640 medium supplemented with 10 % FCS, 10 mM HEPES, glutamine, 1 mM pyruvate and 0.05 mM 2-ME. The cytotoxic activity was evaluated using a standard[51Cr] release test;  $2 \times 10^6$  target cells were labeled with 200 µCi Na[ $^{51}$ Cr]O $_4$ (Amersham-Buchler, Braunschweig, Germany) and washed 4 times and then resuspended in medium in a concentration of 2  $\times$  $10^5/\mathrm{ml}$ . The effector cells were adjusted to a concentration of 5 x  $10^6/\text{ml}$ . Increasing amounts of CTLs in 100  $\mu l$  were titrated to  $10^4$  target cells/well or cavity in 50  $\mu$ l. 50  $\mu$ l antibodies were added to each well. The entire test was prepared three times and incubated at  $37^{\circ}\text{C}$  for 4 h. 100 µl of the supernatant were collected and tested for [51Cr] release in a gamma counter (Cobra Auto Gamma; Canberra Packard, Dreieich, Germany). The maximum release determined by incubation of the target cells in 10 % SDS, and the spontaneous release was determined by incubation of the cells in medium alone. The specific lysis (%) was spontaneous release (experimental calculated as: release)/(maximum release - spontaneous release) x 100.

#### Claims

- 1. A multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct having at least four variable domains which are linked with one another via the peptide linkers 1, 2 and 3.
- 2. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to claim 1, wherein the peptide linkers 1 and 3 have 0 to 10 amino acids.
- 3. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to claim 2, wherein the peptide linkers 1 and 3 have the amino acid sequence GG.
- 4. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to any of claims 1 to 3, wherein the  $F_{\nu}$  antibody construct is bivalent.
- 6. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to claim 4 or 5, wherein the peptide linker 2 has the amino acid sequence  $(G_4S)_4$ .
- 7. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to any of claims 1 to 3, wherein the  $F_{\nu}$  antibody construct is tetravalent.
- 8. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to claim 7, wherein the peptide linker 2 has 3 to 10 amino acids.
- 9. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to claim 7 or 8, wherein the peptide linker 2 comprises the amino acid sequence GGPGS.

- 10. The  $F_v$  antibody construct according to any of claims 1 to 9, wherein the  $F_v$  antibody construct is multispecific.
- 11.  $F_{\nu}$  antibody construct according to claim 10, wherein the  $F_{\nu}$  antibody construct is bispecific.
- 12. The  $F_{\nu}$  antibody construct according to any of claims 1 to 9, wherein the  $F_{\nu}$  antibody construct is monospecific.
- 13. A method of producing the multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct according to any of claims 1 to 12, wherein DNAs coding for the peptide linkers 1, 2 and 3 are ligated with DNAS coding for the four variable domains of an  $F_{\nu}$  antibody construct such that the peptide linkers link the variable domains with one another and the resulting DNA molecule is expressed in an expression plasmid.
- 14. Expression plasmid coding for the multivalent  $F_{\mathbf{v}}$  antibody construct according to any of claims 1 to 12.
- 15. The expression plasmid according to claim 14, namely pDISC3x19-LL.
- 16. The expression plasmid according to claim 14, namely pDISC3x19-SL.
- 17. The expression plasmid according to claim 14, namely pPIC-DISC-LL.
- 18. The expression plasmid according to claim 14, namely pPIC-DISC-SL.

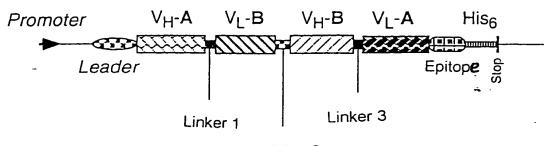
- $^{19}\cdot$  Use of the multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct according to any of claims 1 to 12 for the diagnosis and/or treatment of diseases.
- 20. Use according to claim  $^{19}$ , wherein the diseases are viral, bacterial or tumoral diseases.

K 2534

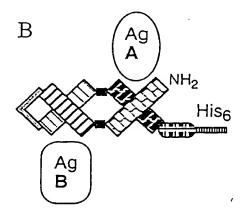
# Abstract of the Disclosure Multivalent Antibody Constructs

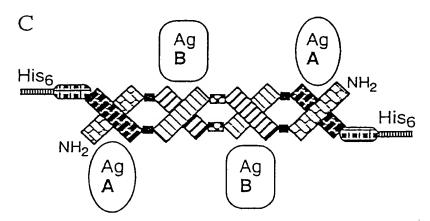
The present invention relates to a multivalent  $F_{\nu}$  antibody construct having at least four variable domains which are linked with each over via the peptide linkers 1, 2 and 3. The invention also concerns expression plasmids which code for such an  $F_{\nu}$  antibody construct and a method of producing the  $F_{\nu}$  antibody constructs as well as their use.

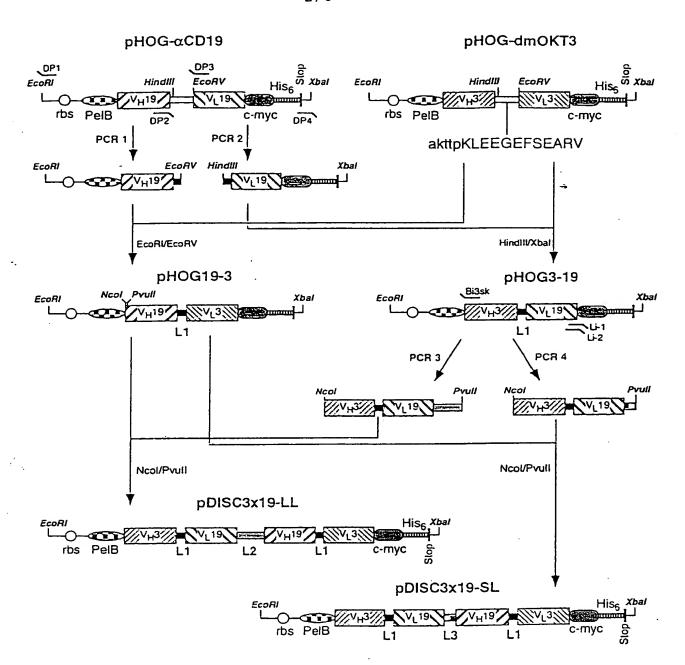
A



Linker 2



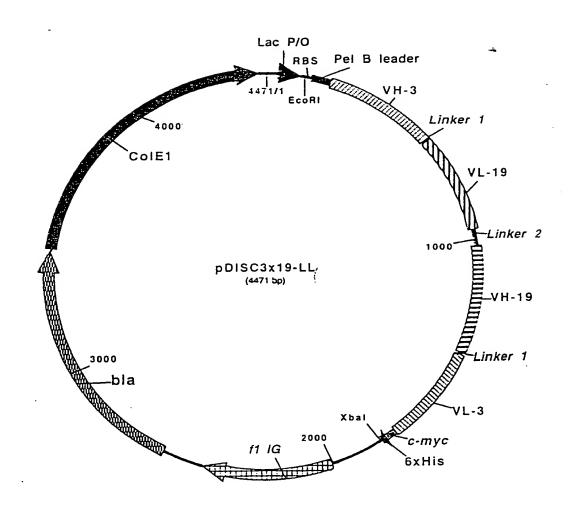


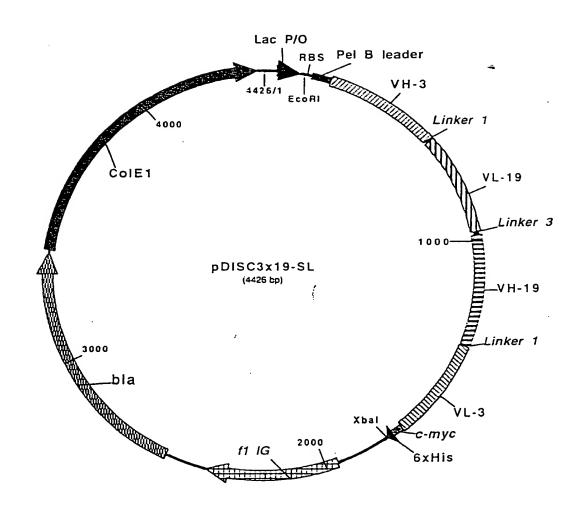


Linkers: L1 = GG

 $L2 = (G_4S)_4$ 

L3 = GGPGS





EcoRI RBS PelB leader Nool
1 GAATTCATTAAAGAGGAGAAATTAACCATGAAATACCTATTGCCTACGGGAGCGGCTGGCT
PMKYLEPTAAAGLELLAAQPAM
• Frame-H1 VH anti-C03
92 CGCAGGTGCAACTGCAGCAGTCTGGGGCTGAACTGGCAAGACTGGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGCCTACACCTTTAC 22 A Q V Q L Q Q S G A E L A R P G A S V K M S C K A S G Y T F T
CDR-H1 Frame-H2 CDR-H2
183 TAGGTACACGATGCACTGGGTA-AACAGAGGCCTGGACAGGGTCTGGAATGGATTGGAT
52 PRYTMHWVXQRPGQGLEWIGYINPSRGYT Frame-H3
257 TAATTACAATCAGAAGTTCAAGGACAAGGCCACATGACTACAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTGAGCAGCCTGAC
30 N Y N Q K F K D K A T L T T D K S S T A Y M Q L S S L T  CDR-H3  Frame-H4
354 ATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGATATTATGATGATGATTACAGCCTTGACTACTGGGCCCAAGGCACCACTCTCA
109 SEDSAVYYCARYYDDHYSLDYWGQGTTL
CH1 Linker 1 Frame-L1 VL anti-CD19
440 CAGTCTCCTCAGCCAAACACACCCCAAGCTTGGGGGGTGATATCTTGCCTCACCCAAACTCCAGCTTCTTTTGGCTGTGTGTAGGGCAGA
138 T V S S A K T T P K L G G D I L L T Q T P A S L A V S L G Q  COR-L1  Frame-L2
Fiamercz SECCACCATCTCCTCCTALAGECCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTGATAGTTATTGAACTCCTACCAACCA
168 RATISCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPG
CDA-L2 Frame-L3
614 AGCCACCCAAACTCCTCATCTAT <u>GATGCATCCAATCTAGTTTCT</u> GGGATCCCACCCAGGTTTAGTGGCAGTGGGACTGGGAACAGACTT
196 Q P P K L L I Y D A S N L V S G I P P R F S G S G S G T D F
CDR-L3 Frame-L4
702 CACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGAAGGTGGATGCTGCACCTATCACTGTGAGGAAAGTACTGAGGATCCGTGGAGGTTCGGTGGA 225 T L N I H ? 7 E K V D A A T Y H C Q Q S T E D ? W T F G G
Ckacca Not! Linker 2
790 GGCACCAAGCTGGAAATCAAA <u>CGGGGTGATGCTGCCGG</u> CGGTGGTGGTGGTGGTTGTGGCGGCGGTGGTAGCGGTGGTGGTGGCGGC
255 G T K L E I X R A D A A A G G G G G G G G G G G G G G G
Pvull Frame-H1 VH anti-CD19
874 TCCGGTGGTGGTGGTAGCCAGCTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCCTGGGGTCCTCAGTGAACATTTCCTGCAACG
283 S G G G S Q V Q L Q Q S G A E L V R P G S S V K I S C K CDR-H1 Frame-H2 CDR-H2
962 CTTCTCCCTATCCATTCACT <u>AGCTACTGGATGAAC</u> TCCGTCAACCACACCCTTCCACAGGGTCTTCAGTCGACACAGATTTGGC
312 A S G Y A F S S Y W M N W V X Q R P G Q G L E W I G Q I W
Pstl Frame-H3
1049 <u>CTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGT</u> AAAGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACACCACACCACACCACACCACACCACACCACACCAC
341) P G D G D T N Y N G K F K G K A T L T A D E S S S T A Y
CDR-H3
CDR-H3 1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTAGTAT
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y
CDR-H3  1113 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1
CDR-H3  1113 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGCCAAAACAACACCCAAGCTTGGCGGTGATATCGTGCTCACCCCCAAGCTTGGCGGTGATATCGTGCTCACCCCCCCC
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAACACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGAAAACAAAC
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTCAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAACACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGAAAACAAAC
CDR-H3  1113 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGAAAAACAACACCCAAGCTTGGGGGTGATATCGTCCTCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 ACTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCAGTGCCAGGTGAAGTTAAGTTACATGAACTGG 427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGACCCTCAGTCACCGTCAGCCAAACCAAGCCTTGGGGGTGATATCGTCCTCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 ACTCTCAGCAATCATGTCTGCATCTCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCAGTGCCAGCTCAAGGTTAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 CDR-L2 Frame-L3
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCACCGAAAACAACACCCAAGCTTGGCGGTGATATCGTGCTCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 ACTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCCAGGGAGAAGGTCACCATGACTGCAGTGCAAGTGTAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 CDR-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACTGCAAACTGGCTTCTGGAGGTCCCTGCTCACTTCAGGGGGAGA
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCAGCCSAAACSACCCCAAGCTTGGGGGTGATATCGTCCACTC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 ACTCTCAGCAATCATGTCTGCATCTCAGGGGAGAAGGTCACCATGACTGCAGGTGCAAGGTCAAGTTAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 COR-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCACCTCCCCCAAAACATGCATTTATGACACATGCAAACTGGCTTCTGGAGGTCCCTGCTCACTTCAGGGGCA  456 Y Q Q K S G T S P K R W I Y D T S K L A S G V P A H F R G
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCAAACCAAGCTTGGCGGTGATATCGTCCTCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 ACTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCAGTGCAAGCTCAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S V S Y M N W  Frame-L2 COR-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACATCCAAACTGGCTTCTGGAGTCCCTCCTCACTTCAGGGGCA  456 Y Q Q K S G T S P K R W I Y D T S K L A S G V P A R F R G  CDR-L3
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCAAAACAACCAAGCTTGGCGGTGATATCGTCCTCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 ACTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCAGTGCAAGCTCAAGTTAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 COR-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACATCCAAACTGGCTTCTCGGGGGCACTTCACTTCAGGGGCA  456 Y Q Q K S G T S P K R W I Y D T S K L A S G V P A R F R G  CDR-L3  1481 GTGGGTCTGGGACCTCTTACTCTCACAATCAGCGGCAATGAGGCTGAAGATGCTGCCACTTATTACTGCCAGGGGTAGTAGTAAGTA
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGCCGAAACCTAGGCGAAGCTTGGGGGGTGATATCGTCCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 AGTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGAGGTGCAAGCTCAAGTTAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 COR-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACATCCAAACTGGCTTCTGGAGTCCCTGCCCCCCCC
COR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTCTGGGGTCAAGGAACCTCAGCTCAGCTCA
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGCCGAAACCTAGGCGAAGCTTGGGGGGTGATATCGTCCACCC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 AGTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGAGGTGCAAGCTCAAGTTAAGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 COR-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACATCCAAACTGGCTTCTGGAGTCCCTGCCCCCCCC
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGCTACGACGGTAGGCCGTTATTACTAT  369 M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4 CH1 Linker 1 Frame-L1  1219 GCTATGGACTACTGGGGTAAGGAACCTCAGTCACCTAGTCACCTAAACAACACCCAAACCTTGGCGGTGATATCTGCTCACTC  398 A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T  VL anti-CD3 CDR-L1  1307 AGTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCAGGGGGAGAAGGTCACCATGACCTCAGTGCAGGTGCAGGTGAAGGTTACATGAACTGG  427 Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W  Frame-L2 Frame-L3  1393 TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACCATCCAAACTGGCTTCTGCAGTCCCTCCTCCACTTCAGGGGCA  456 Y Q Q K S G T S P K R W E Y D T S K L A S G V P A H F R G  CDR-L3  1481 GTGGGTCTGGGACCTCTTTACTCTCACAATCAGCGGCATGAGGTGCAAGTGCTGCCACTTTATTACTGCCAGCAGTGGAGTAGTAAA  485 S G S G T S Y S L T I S G M E A E D A A T Y Y C Q Q W S S N  Frame-L4 CAAPA  1569 CCCATTCACGTTCGGGACAAAGTTGGAAAAAACTGGGCTGAAACTGGATCCCAACTTGATCCCAACCTGATCCGAACAAAAACTGGATCTCAG  1514 P F T F G S G T K L E I N R A D T A P T G S E Q K L I S  His6 iail Xbal
CDR-H3  1133 TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTCAGGACTCTGCGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTATTACTAT  369) M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R R E T T T V G R Y Y Y  Frame-H4

FIGURE 5

```
RBS
                       PelB leader
     EcoRI
    1 GAATTCATTAAAGAGGAAAATTAACCATGAAATTACCTATTGCCTACGGCAGCCGCTGGCTTGCTGCTGCTGCTGCCAGCTCAGCCATGG
                      2 M K Y L L P T A A A G L L L L A A Q .P A M
                                                VH anti-CD3
                     Frame-H1
   92 GGCAGGTGCAACTGCAGCAGTCTGGGGCTGAACTGGCAAGACTGGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGCTACACCTTTTAC
   22 A Q V Q L Q Q S G A E L A R P G A S V K M S C K A S G Y T F T
        CDR-H1
                    Frame-H2
                                               CDR-H2
   52) RYTMHWVKQRPGQGLEWIGYINPS RGYT
                             Frame-H3
   267 TAATTACAATCAGAAGTTCAAGGACAAGGCCACATTCACTACAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTGAGCAGCCTGAC
   80) NYNQKFKOKATLTTDKSSSTAYMQLSSLT
                                  CDR-H3
                                                    Frame-H4
   354 ATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGA<u>TATTATGATGATCATTACAGCCTTGACTAC</u>TGGGGCCAAGGCACCACTCTCA
   109) S E D S A V Y Y C A R Y Y D D H Y S L D Y W G
                                                       26775
                          Linker 1
                                 Frame-L1
                                                      VL anti-CD19
   440 CAGTOTOCTCAGOCCAAAACAACACCTTGGGGGTGATATOTTGCTCACCCAAACTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCAGA
   138)T V S S A K T T F K L G G D I L L T Q T P A S L A V S L S Q
                   CDR-L1
                                                       Frame-L2
   168 R A T I S C K A S Q S 7 D Y D G D S Y L N W Y Q Q I P G
                      CDR-L2
                                          Frame-L3
  196 Q P P K L L I Y D A S N L V S G I P P R F S G S G S G T D F
                                         CDR-L3
  702 CACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGAAGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTGAGGAAAGTACTGAGGATGCGTGGAGGAT
  225) TENTHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGG
Ckaopa Notl Linker 3 Pvull Frame-H1
  790 GGCACCAAGCTGGAAATCAAA<u>CGGGCTGATGCTG</u>GCGGCCGCTGGTGGCCCAGGGTCGCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGCTGAGCT
  255) G T K L E I K R A D A A A G G P G S Q V Q L Q Q S G A E L
      VH anti-CD19
                                             CDR-H1
  879 GGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGT<u>AGCTACTGGATGAAC</u>TGGGTGAAGCAGAGGC
  284) V R P G S S V K I S C K A S G Y A F S S Y W M N W V K Q R
                           COR-H2
  314) PGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGXA
               Frame-H3
  1051 ACTOTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACACCAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCCAAGAC
  342) T L T A D E S S S T A Y M Q L S S L A S E D S A V Y F C A R
                                                               CH1
                                         Frame-H4
         CDR-H3
  372 R E T T T V G R Y Y Y A M D Y W G Q G T S V T V S S A K
              Linker 1 Frame-L1 VL anti-CD3
  1226 CAACACCCAACCTT GGGGGGTGATATCGTGCTCACTCAGTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCA
  400 PT T P K L G G D I V L T Q S P A I M S A S P G E K V T M T C
                            Frame-L2
         CDR-L1
  1316 GTGCCAGCTCAAGTGTAAGTTACATGAACTCGTACCAGCACAAGTCAGCACCTCCCCCAAAAGATGCATTTATGACACATCCAA
  430) S A S S S V S Y M N W Y Q Q K S G T S P K R W I Y D T S
                 Frame-L3
1401 <u>ACTGGCTTCT</u>GGAGTCCCTGCTCACTTCAGGGGCAGTGGGACCTCTTACTCTCTCACAATCAGCGGCATGGAGGCTGAAGATGC
  458 L A S G V P A H F R G S G S G T S Y S L T I S G M E A E D A
                                                          C kappa
                  CDR-L3
                                      Frame-L4
  1491 TGCCACTTATTACTGCCAGCAGTGGAGTAGTAACCCATTCACGTTCGGGGACAAAGTTGGAAATAAACCCCGCTCATTACTGC
  488) ATYYCQQWSSNPFTFGSGTKLEINRADTA
                                            His6 tail
                c-myc epitope
  517 PTGSEQKLISEEDLNSHHHHHH.
```

941 ATGAGATTTCCTCAATTTTTACTCCTGTTTTATTCGCAGCATCCTCCGCATTAGCTGCTCCAGTCAACACTAC

1 M R F P S I F T A V L F A A S S A L A A P V N T T

alpha-factor signal

1015 AACAGAAGATGAAACGGCACAAATTCCGGCTGAAGCTGTCATCGGTTACTCAGATTTAGAAGGGGATTTCGATG

25 T E D E T A Q I P A E A V I G Y S D L E G D F D

1089 TTGCTGTTTTGCCATTTTCCAACAGCACAAATAACGGGTTATTGTTTATAAATACTACTATTGCCAGCATTGCT

50 V A V L P F S N S T N N G L L F I N T T I A S I A

EcoRI

Xhol

Xhol

A ECORI

51 A K E E G V S L E K R E A E A E F Q V Q L Q Q S

VH anti-CD3

FIGURE 7

1234 TGGGGCTGAACTGGCAAGACCTGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCT
98 G A E L A R P G A S V K M S C K A S

941 ATGAGATTTCCTTCAATTTTTACTGCTGTTTTATTCGCAGCATCCTCCGCATTAGCTGCTCCAGTCAACACTAC

1 M R F P S I F T A V L F A A S S A L A A P V N T T

alpha-factor signal

1015 AACAGAAGATGAAACGGCACAAATTCCGGCTGAAGCTGTCATCGGTTACTCAGATTTAGAAGGGGATTTCGATG

25 T E D E T A Q I P A E A V I G Y S D L E G D F D

BsrD1

1089 TTGCTGTTTTGCCATTTTCCAACAGCACAAATAACGGGTTATTGTTTATAAATACTACTATTGCCAGCATTGCT

50 V A V L P F S N S T N N G L L F I N T T I A S I A

EcoRI

XhoI

XhoI

CTAAAGAAGAAGAAGAAGGGGTTATCTCTCGAGAAAAACAAGAGGCTGAAGCTGAATTCATGGCGCAGGTGCAACTGCAG

75 A K E E G V S L E K R E A E A E F M A Q V Q L Q

VH anti-CD3

1235 CAGTCTGGGGCTGAACTGGCAAGACCTGGGGCCTCAGTGAAGATTCCTGCAAGGCTTCT

99 Q S G A E L A R P G A S V K M S C K A S

# BUNDEREPUBLIK DEUTSHLAND



# Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen:

198 19 846.9

Anmeldetag:

5. Mai 1998

Anmelder/Inhaber:

Deutsches Krebsforschungszentrum Stiftung des

öffentlichen Rechts, Heidelberg, Neckar/DE

Bezeichnung:

Multivalente Antiköper-Konstrukte

IPC:

C 07 K, A 61 K, C 12 N

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 8. Februar 2001

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag







Anmelderin: Unser Zeichen: Deutsches Krebsforschungszentrum

en: K 2534 - hu / A

### Multivalente Antikörper-Konstrukte

)ie vorliegende Erfindung betrifft multivalente F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukte, sie odierende Expressionsplasmide, und ein Verfahren zur Herstellung der F<sub>v</sub>.Antiörper-Konstrukte sowie ihre Verwendung.

atürliche Antikörper sind Dimere und werden daher als bivalent bezeichnet. Sie eisen vier variable Domänen, nämlich zwei  $V_H$ - und zwei  $V_L$ -Domänen, auf. Die triablen Domänen dienen als Bindungsstellen für ein Antigen, wobei eine ndungsstelle aus einer  $V_H$ - und einer  $V_L$ -Domäne ausgebildet ist. Natürliche ntikörper erkennen jeweils ein Antigen, wodurch sie auch als monospezifisch zeichnet werden. Ferner weisen sie auch konstante Domänen auf. Diese ten zur Stabilität der natürlichen Antikörper bei. Andererseits sind sie auch für terwünschte Immunreaktionen mitverantwortlich, die entstehen, wenn natürlie Antikörper verschiedener Tierarten wechselseitig verabreicht werden.

r Vermeidung solcher Immunreaktionen werden Antikörper konstruiert, denen konstanten Domänen fehlen. Insbesondere sind dies Antikörper, die nur noch variablen Domänen aufweisen. Solcha Antikörper werden mit F<sub>v</sub>-Antikörpernstrukten bezeichnet. Diese liegen häufig in Form einzelkettiger, sich miteinter gepaarter Monomere vor.

hat sich allerdings gezeigt, daß  $F_{\nu}$ -Antikörper-Konstrukte nur eine geringe bilität aufweisen. Ihre Verwendbarkeit für therapeutische Zwecke ist daher k eingeschränkt.

vorliegenden Erfindung liegt somit die Aufgabe zugrunde, einen Antikörper itzustellen, mit dem unerwünschte Immunreaktionen vermieden werden nen. Ferner soll er eine Stabilität aufweisen, die ihn für therapeutische



Zwecke einsetzbar macht.

Erfindungsgemäß wird dies durch die Gegenstände in den Patentansprüchen erreicht.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit ein multivalentes  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt, das eine große Stabilität aufweist. Ein solches eignet sich für diagno-tische und therapeutische Zwecke.

Die vorliegende Erfindung beruht auf den Erkenntnissen des Anmelders, daß die itabilität eines F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes erhöht werden kann, wenn dieses in form eines einzelkettigen Dimeres vorliegt, bei dem die vier variablen Domänen iber drei Peptidlinker miteinander verbunden sind. Ferner hat der Anmelder akannt, daß sich das F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt mit sich selbst faltet, wenn der nittlere Peptidlinker eine Länge von etwa 10 - 30 Aminosäuren aufweist. Des seiteren hat der Anmelder erkannt, daß sich das F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt mit aderen F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukten zusammenfaltet, wenn der mittlere Peptidlingreine Länge von etwa bis zu 10 Aminosäuren aufweist, wodurch ein multimes, d.h. multivalentes, F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt erhalten wird. Auch hat der anmelder erkannt, daß das F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt multispezifisch sein kann.

findungsgemäß werden die Erkenntnisse des Anmelders genutzt, ein multilentes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt bereitzustellen, das mindestens vier variable mänen umfaßt, die über die Peptidlinker 1, 2 und 3 miteinander verbunden d.

r Ausdruck "F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt" weist auf einen Antikörper hin, der riable Domänen, nicht aber konstante Domänen aufweist.

Ausdruck "multivalentes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt" weist auf einen F<sub>v</sub>-Antiper hin, der mehrere variable Domänen, jedoch mindestens vier aufweist, ches wird erreicht, wenn sich das einzelkettige F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt mit

+49 8 724749

- 3.-

sich selbst faltet, wodurch vier variable Domänen gegeben sind, oder sich mit anderen einzelkettigen F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukten zusammenfaltet. In letzterem Fall liegt ein F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt vor, das 8, 12, 16, etc. variable Domänen aufweist. Günstig ist es, wenn das F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt vier oder acht variable Domänen aufweist, d.h. es ist bi- oder tetravalent (vgl. Fig. 1). Ferner tönnen die variablen Domänen gleich oder verschieden voneinander sein, wodurch das Antikörper-Konstrukt ein oder mehrere Antigene erkennt. Vorzugsweise erkennt das Antikörper-Konstrukt ein oder zwei Antigene, d.h. es ist nono- bzw. bispezifisch. Beispiele solcher Antigene sind die Proteine CD19 und D3.

ler Ausdruck "Peptidlinker 1, 3" weist auf einen Peptidlinker hin, der geeignet it, variable Domänen eines F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes miteinander zu verbinden. Ier Peptidlinker kann jegliche Aminosäuren enthalten, wobei die Aminosäuren lycin (G), Serin (S) und Prolin (P) bevorzugt sind. Die Peptidlinker 1 und 3 innen gleich oder verschieden voneinander sein. Ferner kann der Peptidlinker ne Länge von etwa 0 - 10 Aminosäuren aufweisen. In ersterem Fall ist der aptidlinker lediglich eine Peptidbindung aus dem COOH-Rest einer der variablen imänen und dem NH<sub>2</sub>-Rest einer anderen der variablen Domänen. Vorzugssise weist der Peptidlinker die Aminosäuresequenz GG auf.

Ausdruck "Peptidlinker 2" weist auf einen Peptidlinker hin, der geeignet ist, nable Domänen eines F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes miteinander zu verbinden. Der ptidlinker kann jegliche Aminosäuren enthalten, wobei die Aminosäuren Glycin, Serin (S) und Prolin (P) bevorzugt sind. Ferner kann der Peptidlinker eine nge von etwa 3 -10 Aminosäuren, insbesondere 5 Aminosäuren, und ganz ponders die Aminosäuresequenz GGPGS, aufweisen, wodurch erreicht wird, sich das einzelkettige F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt mit anderen einzelkettigen F<sub>v</sub>-tikörper-Konstrukten zusammenfaltet. Des weiteren kann der Peptidlinker eine ge von etwa 11 - 20 Aminosäuren, insbesondere 15 - 20 Aminosäuren, und zu besonders die Aminosäuresequenz (G<sub>4</sub>S)<sub>4</sub>, aufweisen, wodurch erreicht d, daß sich das einzelkettige F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt mit sich selbst faltet.

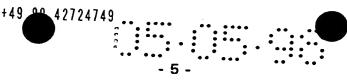
Ein erfindungsgemäßes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt kann durch übliche Verfahren hergestellt werden. Günstig ist ein Verfahren, bei dem für die Peptidlinker 1, 2 and 3 kodierende DNAs mit für die vier variablen Domänen eines F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes kodierenden DNAs ligiert werden derart, daß die Peptidlinker die variablen Domänen miteinander verbinden, und das erhaltene DNA-Molekül in einem Expressionsplasmid exprimiert wird. Es wird auf die Beispiele 1 - 5 verviesen. Hinsichtlich der Ausdrücke "F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt" und "Peptidlinker" wird auf vorstehende Ausführungen verwiesen. Ergänzend wird auf Maniatis, T. at al., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory 982, verwiesen.

MAs, die für ein erfindungsgemäßes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt kodieren, sind senfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Ferner sind Expressionsplasmie, die solche DNAs enthalten, auch Gegenstand der vorliegenden Erfindung. svorzugte Expressionsplasmide sind pDISC3x19-LL, pDISC3x19-SL, pPIC-SC-LL und pPIC-DISC-SL. Diese wurden bei der DSMZ (Deutsche Sammlung Mikroorganismen und Zellen) am 30. April 1998 unter DSM 12150, DSM 149, DSM 12152 bzw. DSM 12151 hinterlegt.

weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Kit, umfassend:
ein erfindungsgemäßes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt, und/oder
ein erfindungsgemäßes Expressionsplasmid, sowie
übliche Hilfsstoffe, wie Puffer, Lösungsmittel und Kontrollen.

å den einzelnen Komponenten können ein oder mehrere Vertreter vorliegen.

vorliegende Erfindung stellt ein multivalentes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt bereit, dem die variablen Domänen über Peptidlinker miteinander verbunden sind. solches Antikörper-Konstrukt zeichnet sich dadurch aus, daß es keine Teile hält, die zu unerwünschten Immunreaktionen führen können. Ferner weist es große Stabilität auf. Des weiteren ermöglicht es mehrere Antigene gleichzeit binden. Das erfindungsgemäße F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt eignet sich daher



bestens nicht nur für diagnostische, sondern auch für therapeutische Zwecke verwendet zu werden. Solche Zwecke können hinsichtlich jeder Erkrankung, insbesondere einer viralen, bakteriellen oder Tumor-Erkrankung, gesehen werden.

# Kurze Beschreibung der Zeichnungen:

**Fig. 1** zeigt die genetische Organisation eines erfindungsgemäßen  $F_v$ -Antikörper-Konstruktes (A) und Schemata zur Bildung eines bivalenten (B) bzw. tetravalenten  $F_v$ -Antikörper-Konstruktes (C). Ag: Antigen; His $_{\rm s}$ : sechs C-terminale Histidineste; Stop: Stoppcodon (TAA);  $V_{\rm H}$  und  $V_{\rm L}$ : variable Region der schweren und  $V_{\rm L}$ : variable Kette.

ig. 2 zeigt das Schema zur Konstruktion der Plasmide pDISC3x19-LL und pDISC3x19-SL. c-myc: Sequenz, kodierend für ein Epitop, das von dem Antikörer 9E1 erkannt wird, His<sub>6</sub>: Sequenz, die für sechs C-terminale Histidinreste odiert; PelB: Signalpeptidsequenz der bakteriellen Pectatlyase (PelB-Leader); is: Ribosomenbindungsstelle; Stop: Stoppcodon (TAA); V<sub>H</sub> und V<sub>L</sub>: variable egion der schweren und der leichten Kette.

g. 3 zeigt ein Diagramm des Expressionsplasmids pDISC3x19-LL. 6xHis: quenz, die für sechs C-terminale Histidinreste kodiert; bla: Gen, das für β-tctamase kodiert, die für Ampicillinresistenz verantwortlich ist; bp: Basenpaare; myc: Sequenz, kodierend für ein Epitop, das von dem Antikörper 9E10 erkannt die ColE1: Örigin der DNA-Replikation; f1-IG: intergenische Region des Baktephagen f1; Lac P/O: wt /ac-Operon-Promotor/Operator; Linker 1: Sequenz, die ein GlyGly-Dipeptid kodiert, das die V<sub>H</sub>- und V<sub>L</sub>-Domänen verknüpft; Linker 2: quenz, die für ein (Gly₄Ser)₄-Polypeptid kodiert, das die hybriden scFv-Fragnte verknüpft; Pel-B-Leader: Signalpeptidsequenz der bakteriellen Pectatlyase; Ribosomenbindungsstelle; V<sub>H</sub> und V<sub>L</sub>: variable Region der schweren und der htten Kette.

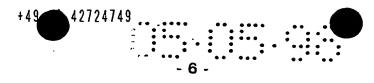


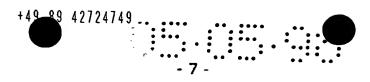
Fig. 4 zeigt ein Diagramm des Expressionsplasmids pDISC3x19-SL. 6xHis: Sequenz, die für sechs C-terminale Histidinreste codiert; bla: Gen, das für  $\beta$ -paare; c-myc: Sequenz, kodierend für ein Epitop, das von dem Antikörper 9E10 erkannt wird; ColE1: Origin der DNA-Replikation; f1-IG: intergenische Region des Bakteriophagen f1; Lac P/O: wt lac-Operon-Promotor/Operator; Linker 1; Sequenz, die für ein GlyGly-Dipeptid codiert, das die  $V_H$ - und  $V_L$ -Domänen vernüpft; Linker 3: Sequenz, die für ein GlyGlyProGlySer-Oligopeptid codiert, das die hybriden scFv-Fragmente verknüpft; Pel-B-Leader: Signalpeptidsequenz der takteriellen Pectatlyase; rbs: Ribosomenbindungsstelle;  $V_H$  und  $V_L$ : variable legion der schweren und der leichten Kette.

ig. 5 zeigt die Nukleotid- und die davon abgeleitete Aminosäuresequenz des lurch das Expressionsplasmid pDIS3x19-LL kodierten bivalenten F<sub>v</sub>-Antikörperconstruktes. *c-myc*-Epitop: Sequenz, kodierend für ein Epitop, das von dem untikörper 9E10 erkannt wird; CDR: Komplementarität bestimmende Region; ierüst: Gerüstregion (Framework-Region); His6-Schwanz, Sequenz, die für achs C-terminale Histidinreste kodiert; PelB-Leader: Signalpeptidsequenz der akteriellen Pectalyase; RBS: Ribosomenbindungsstelle; V<sub>H</sub> und V<sub>L</sub>: variable agion der schweren und der leichten Kette.

g. 6 zeigt die Nukleotid- und die abgeleitete Aminosäuresequenz des durch das apressionsplasmid pDISC3x19-SL kodierten tetravalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-Konnuktes. *c-myc*-Epitop: Sequenz, kodierend für ein Epitop, das von dem Antikörif 9E10 erkannt wird; CDR: Komplementarität bestimmende Region, Gerüst:
nüstregion (Framework-Region); His6-Schwanz, Sequenz, die für sechs Cminale Histidinreste kodiert; PelB-Leader: Signalpeptidsequenz der bakteriellen
etalyase; RBS: Ribosomenbindungsstelle; V<sub>H</sub> und V<sub>L</sub>: variable Region der
nweren und der leichten Kette.

7 zeigt die Nukleotid- und die abgeleitete Aminosäuresequenz einer Verdung zwischen einem Gen, das für eine a-Faktor-Leadersequenz kodiert, und em Gen, das für das tetravalente F,-Antikörper-Konstrukt codiert, in dem

5, Mai 1998



*Pichia*-Expressionsplasmid pPIC-DISC-SL. Alpha-Faktor-Signal: Leaderpeptidsequenz des *Saccharomyces cerevisiae-a*-Faktor-Sekretionssignals;  $V_H$ : variable Region der schweren Kette. Rauten zeigen die Signalspaltstellen an.

Fig. 8 zeigt die Nukleotid- und die abgeleitete Aminosäuresequenz einer Verbindung zwischen einem Gen, das für eine α-Faktor-Leadersequenz kodiert, und einem Gen, das für das bivalente F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt codiert, in dem *Pichia-* Expressionsplasmid pPIC-DISC-LL. Alpha-Faktor-Signal: Leaderpeptidsequenz des *Saccharomyces cerevisiae-α*-Faktor-Sekretionssignals; V<sub>H</sub>: variable Region der schweren Kette. Rauten zeigen die Signalspaltstellen an.

Die Erfindung wird durch die nachfolgenden Beispiele erläutert.

keispiel 1: Konstruktion der Plasmide pDISC3x19-LL und pDISC3x19-SL zur Expression von bivalenten, bispezifischen bzw. tetravalenten, bispezifischen F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukten in Bakterien

7

.1998 16:58

HUBER & SCHUESSLER PATENTANW.

NR.766 S.9/25

5. Mai 1898



AGCACACAAGCTTGGCGGTGATATCTTGCTCACCCAAACTCCA, und DP4, 5'-AGCACACTCTAGAGACACACAGATCTTTAGTGATGGTGATGGTGATGTGAGTT-TAGG, erzeugt. Das PCR-Fragment 2 wurde mit HindIII und Xbal gespalten und mit dem durch HindIII/Xbal linearisierten Plasmid pHOG-dmOKT3 ligiert, wodurch der Vektor pHOG3-19 erhalten wurde (vgl. Fig. 2). Das für das hybride scFv-3-19 codierende Gen in dem Plasmid pHOG3-19 wurde mittels PCR mit den Primern Bi3sk, 5'-CAGCCGGCCATGGCGCAGGTGCAACTGCAGCAG und entweder Li-1, 5'-TATATACTG<u>CAGCTG</u>CACCTGGCTACCACCAC-AGCGGCCGCAGCATCAGCCCG, zur Erzeugung eines langen flexiblen (Gly4Ser)4-inter-scFv-Linkers (PCR-Fragment 3, vgl. Fig. 2) oder Li-2, 5'-TATA-TACTG<u>CAGCTG</u>CACCTGCGACCCTGGGCCACCAGCGGCCGCAGCATCAGCC-CG, zur Erzeugung eines kurzen, starren GGPGS-Linkers (PCR-Fragment 4, vgl. rig. 2) amplifiziert. Die Expressionsplasmide pDISC3x19-LL und pDISC3x19-SL wurden durch Ligierung des Ncol/Pvull-Restriktionsfragments aus pHOG19-3, ımfassend das Vektorgerüst und die Ncol/Pvull-gespaltenen PCR-Fragmente 3 nzw. 4 konstruiert (vgl. Fig. 3, 4). Die vollständige Nukleotid- und Proteinseuenzen der bivalenten bzw. tetravalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukte sind in den iguren 5 bzw. 6 angegeben.

eispiel 2: Konstruktion der Plasmide pPIC-DISC-LL und pPIC-DISC-SL zur Expression von bivalenten, bispezifischen bzw. tetravalenten, bispezifischen  $F_v$ -Antikörper-Konstrukten in Hefe

) Konstruktion von pPIC-DISC-SL

ir Vektor pPICZaA (Invitrogen BV, Leek, Niederlande) zur Expression und ikretion von rekombinanten Proteinen in der Hefe *Pichia pastoris* wurde als isgangsmaterial verwendet. Er enthält ein Gen, das für das *Saccharomyces revisiae a*-Faktor-Sekretionssignal codiert, gefolgt von einem Polylinker. Die kretion dieses Vektors beruht auf dem dominanten selektierbaren Marker,

· +49 **2724749** 



Zeocin<sup>TM</sup>, der sowohl in *Pichia* als auch in *E. coli* bifunktionell ist. Das Gen, das für das tetravalente F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt (scDia-SL) codiert, wurde mittels PCR von der Matrize pDISC3x19-SL unter Verwendung der Primer 5-PIC, 5'-CCGTGAATTCCAGGTGCAACTGCAGCAGTCTGGGGCTGAACTGGC, und pSEXBn 5'-GGTCGACGTTAACCGACAAACAACAGATAAAACG amplifiziert. Das so erhaltene PCR-Produkt wurde mit *Eco*RI und *Xba*I gespalten und in mit *Eco*RI/*Xba*I linearisiertes pPICZαA ligiert. Es wurde das Expressionsplasmid PIC-DISC-SL erhalten. Die Nukleotid- und Proteinsequenzen des tetravalenten v-Antikörper-Konstruktes sind in Fig. 7 gezeigt.

### B) Konstruktion von pPIC-DISC-LL

ie Konstruktion von pPIC-DISC-LL wurde auf der Grundlage von pPICZaA nvitrogen BV, Leek, Niederlande) und pDISC3x19-LL (vgl. Fig. 3) durchgeführt. ie Plasmid-DNA pPICZaA wurde mit *Eco*Rl gespalten. Die überstehenden 5'-nden wurden unter Verwendung eines Klenow-Fragments der *E. coli*-DNA-blymerase I aufgefüllt. Die so erhaltene DNA wurde mit *Xba*I gespalten, und is große Fragment, umfassend den pPIC-Vektor, wurde isoliert. Analog wurde DNA von pDISC3x19-LL mit *Nco*I gespalten und mit einem Klenow-Fragment handelt. Nach der Spaltung mit *Xba*I wurde ein kleines Fragment, umfassend für den bivalenten F<sub>v</sub>-Antikörper kodierendes Gen, isoliert. Dessen Ligierung t einer pPIC-abgeleiteten Vektor-DNA ergab das Plasmid pPIC-DISC-LL. Die kleotid- und Proteinsequenz des bivalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes sind in 8 gezeigt.

# struktes in Bakterien

coli-XL1-Blue-Zellen (Stratagene, La Jolla, CA), die mit den Expressionsmiden pDISC3x19-LL bzw. pDISC3x19-SL transformiert worden waren, den über Nacht in 2xYT-Medium mit 50  $\mu$ g/ml Ampicillin und 100 mM

+49 89 42724749

Glucose (2xYT<sub>Ga</sub>) bei 37°C gezüchtet. 1:50-Verdünnungen der Übernachtkulturen in 2xYT<sub>GA</sub> wurden als Kolbenkulturen bei 37°C unter Schütteln mit 200 UpM gezüchtet. Als die Kulturen einen OD600-Wert von 0,8 erreicht hatten, wurden die Bakterien durch 10minütige Zentrifugation mit 1500 g bei 20°C pelletiert und in dem gleichen Volumen eines frischen 2xYT-Mediums, das 50  $\mu$ g/ml Ampicillin und 0,4 M Saccharose enthielt, resuspendiert. IPTG wurde bis zu einer Endkonzentration von 0,1 mM zugesetzt, und das Wachstum wurde bei Raumtemperatur (20-22°C) 18-20 h fortgesetzt. Die Zellen wurden durch 10minütige Zentrifugation mit 5000 g bei 4°C geerntet. Der Kulturüberstand wurde zurückgehalten und auf Eis gelagert. Um die löslichen periplasmatischen Proteine zu isolieren, wurden die pelletierten Bakterien in 5% des Anfangsvolumens an eiskalter 50 mM Tris-HCl, 20% Saccharose, 1 mM EDTA, pH 8,0, resuspendiert. Nach einer 1stündigen Inkubation auf Eis unter gelegentlichem Rühren wurden die Sphäroplasten mit 30.000 g 30 min bei 4°C zentrifugiert, wobei der lösliche periplasmatische Extrakt als Überstand und die Sphäroplasten nit dem unlöslichen periplasmatischen Material als Pellet erhalten wurden. Der (ulturüberstand und der lösliche periplasmatische Extrakt wurden vereinigt, lurch weitere Zentrifugation (30.000 g, 4°C, 40 min) geklärt. Das rekombinante rodukt wurde durch Ammoniumsulfatfällung (Endkonzentration 70% Sättigung) ingeengt. Das Proteinpräzipitat wurde durch Zentrifugation (10.000 g, 4°C, 40 nin) gewonnen und in 10% des Anfangsvolumens an 50 mM Tris-HCl, 1 M aCl, pH 7,0, aufgelöst. Eine immobilisierte Metallaffinitätschromatographie MAC) wurde bei 4°C unter Verwendung einer 5 ml Säule an chelatierender epharose (Pharmacia), die mit Cu<sup>2+</sup> beladen war und mit 50 mM Tris-HCl, 1 M aCl, pH 7,0 (Startpuffer) equilibriert worden war, durchgeführt. Die Probe urde durch ihr Leiten über die Säule aufgeladen. Sie wurde dann mit zwanzig iulenvolumina Startpuffer, gefolgt von Startpuffer mit 50 mM Imidazol, bis die ssorption bei 280 nm des Effluenten minimal war, gewaschen (etwa dreißig ulenvolumina). Das absorbierte Material wurde mit 50 mM Tris-HCl, 1 M ICI, 250 mM Imidazol, pH 7,0, eluiert.

3 Proteinkonzentrationen wurden mit dem Bradford-Farbstoffbindungstest

+49 42724749



(1976, Anal. Biochem., 72, 248-254) unter Verwendung des Bio-Rad (München, Deutschland)-Proteinassaykits bestimmt. Die Konzentrationen der gereinigten tetravalenten bzw. bivalenten  $F_v$ -Antikörper-Konstrukte wurden aus den  $A_{280}$ -Werten unter Verwendung der Extinktionskoeffizienten  $\epsilon^{1mg/ml}=1,96$  bzw. 1,93 bestimmt.

# Beispiel 4: Expression des tetravalenten bzw. bivalenten Antikörper-Konstruktes in der Hefe *Pichia pastoris*

Kompetente *P. pastoris* GS155-Zellen (Invitrogen) wurden in Gegenwart von 10 μg Plasmid-DNA von pPIC-DISC-LL bzw. pPIC-DISC-SL, die mit *Sac*l linearisiert worden war, elektroporiert. Die Transformanten wurden 3 Tage bei 30°C auf YPD-Platten, die 100 μg/ml Zeocin<sup>TM</sup> enthielten, selektiert. Die Klone, die bivaente bzw. tetravalente F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukte sezernierten, wurden durch lattenscreening unter Verwendung eines anti-c-*myc*-mAk 9E10 (IC Chemikalien, smaning, Deutschland) selektiert.

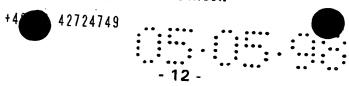
Jur Expression der bivalenten bzw. tetravalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukte Jurden die Klone in YPD-Medium in Schüttelkolben 2 Tage bei 30°C unter Jühren gezüchtet. Die Zellen wurden zentrifugiert, in dem gleichen Volumen des Jediums, das Methanol enthielt, resuspendiert und weitere 3 Tage bei 30°C anter Rühren inkubiert. Die Überstände wurden nach der Zentrifugation gewonden. Das rekombinante Produkt wurde durch Ammoniumsulfatfällung, gefolgt und IMAC, wie vorstehend beschrieben, isoliert.

## kispiel 5: Charakterisierung des tetravalenten bzw. bivalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-

) Größenausschlußchromatographie

analytische Gelfiltration der F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukte wurde in PBS unter

5. Maj 1998



Verwendung einer Superdex-200-HR10/30-Säule (Pharmacia) durchgeführt. Das Probenvolumen und die Fließgeschwindigkeit betrugen 200  $\mu$ l/min bzw. 0,5 ml/min. Die Säule wurde mit hoch- und niedermolekularen Gelfiltrations-Kalibrationskits (Pharmacia) kalibriert.

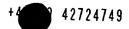
## (B) Durchflußzytometrie

Die menschliche CD3 $^+$ /CD19 $^-$ akute-T-Zell-Leukämielinie Jurkat und die CD19 $^+$ /-CD3 $^-$ B-Zellinie JOK-1 wurden für die Durchflußzytometrie verwendet.  $5 \times 10^5$  Zellen in 50  $\mu$ l RPMI 1640-Medium (GIBCO BRL, Eggestein, Deutschland), das nit 10% FCS und 0,1% Natriumazid supplementiert war (als vollständiges Medium bezeichnet), wurden mit 100  $\mu$ l der F $_v$ -Antikörper-Präparate 45 min auf is inkubiert. Nach Waschen mit dem vollständigen Medium wurden die Zellen nit 100  $\mu$ l 10  $\mu$ g/ml anti-c-myc-Mak 9E10 (IC Chemikalien) in dem gleichen  $\mu$ uffer 45 min auf Eis inkubiert. Nach einem zweiten Waschzyklus wurden die Zellen mit 100  $\mu$ l des FITC-markierten Ziege-anti-Maus-IgG (GIBCO BRL) unter len gleichen Bedingungen wie vorher inkubiert. Die Zellen wurden dann erneut zewaschen und in 100  $\mu$ l 1  $\mu$ g/ml-Propidiumiodid-Lösung (Sigma, Deisenhofen, leutschland) in vollständigem Medium unter Ausschluß von toten Zellen respendiert. Die relative Fluoreszens der gefärbten Zellen wurde unter Verendung eines FACScan-Durchflußzytometers (Becton Dickinson, Mountain jew, CA) gemessen.

### | Cytotoxizitätstest

CD19-exprimierende Burkitt-Lymphoma-Zellinie Raji und Namalwa wurden Zielzellen verwendet. Die Zellen wurden in RPMI 1640 (GIBCO BRL), das mit % hitzeinaktiviertem FCS (GIBCO BRL), 2 mM Glutamin und 1 mM Pyruvat plementiert war, bei 37°C in einer befeuchteten Atmosphäre mit 7,5% CO<sub>2</sub> ubiert. Die cytotoxischen T-Zell-Tests wurden in RPMI-1640-Medium, das mit % FCS, 10 mM HEPES, 2 mM Glutamin, 1 mM Pyruvat und 0,05 mM 2-ME

5. Maj 1998





supplementiert war, durchgeführt. Die cytotoxische Aktivität wurde unter Verwendung eines Standard[61Cr]-Freisetzungstests bewertet; 2 x 106 Zielzellen wurden mit 200 µCi Na[51Cr]O<sub>4</sub> (Amersham-Buchler, Braunschweig, Deutschland) markiert und 4mal gewaschen und anschließend in Medium in einer Konzentration von 2 x 106/ml resuspendiert. Die Effektorzellen wurden auf eine Konzentration von 5 x 106/ml eingestellt. Zunehmende Mengen an CTLs in 100 µl wurden auf 104 Zielzellen/Vertiefung in 50 µl titriert. 50 µl Antikörper wurden jeder Vertiefung zugesetzt. Der gesamte Test wurde dreifach angesetzt und 4 h bei 37°C inkubiert. 100 µl des Überstands wurden gewonnen und auf [61Cr]-Freisetzung in einem gamma-Zähler (Cobra Auto Gamma; Canberra Packard, Dreieich, Deutschland) getestet. Die maximale Freisetzung wurde durch Inkubation der Zielzellen in 10% SDS bestimmt, und die spontane Freisetzung wurde durch Inkubation der Zellen in Medium allein bestimmt. Die spezifische Lyse (%) wurde berechnet als: (experimentelle Freisetzung - spontane Freisetzung)/(-naximale Freisetzung - spontane Freisetzung) x 100.

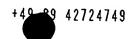




K 2534

### Patentansprüche

- 1. Multivalentes  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt mit mindestens vier variablen Domänen, die über die Peptidlinker 1, 2 und 3 miteinander verbunden sind.
- F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 1, wobei die Peptidlinker 1 und 3
   10 Aminosäuren aufweisen.
- F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 2, wobei die Peptidlinker 1 und 3 die Aminosäuresequenz GG aufweisen.
- $F_v$ -Antikörper-Konstrukt nach einem der Ansprüche 1-3, wobei das  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt bivalent ist.
- F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 4, wobei der Peptidlinker 2 11-20 Aminosäuren aufweist.
- F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 4 oder 5, wobei der Peptidlinker 2 die Aminosäuresequenz  $(G_4S)_4$  aufweist.
  - $F_v$ -Antikörper-Konstrukt nach einem der Ansprüche 1-3, wobei das  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt tetravalent ist.
  - $F_{\nu}$ -Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 7, wobei der Peptidlinker 2 3-10 Aminosäuren aufweist.
  - F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 7 oder 8, wobei der Peptidlinker 2 die Aminosäuresequenz GGPGS aufweist.





- 10.  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt nach einem der Ansprüche 1-9, wobei das  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt multispezifisch ist.
- 11. F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach Anspruch 10, wobei das F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt bispezifisch ist.
  - 12. F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt nach einem der Ansprüche 1-9, wobei das F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt monospezifisch ist.
  - 13. Verfahren zur Herstellung des multivalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes nach einem der Ansprüche 1-12, wobei für die Peptidlinker 1, 2 und 3 kodierende DNAs mit für die vier variablen Domänen eines F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes kodierenden DNAs ligiert werden derart, daß die Peptidlinker die variablen Domänen miteinander verbinden, und das erhaltene DNA-Molekül in einem Expressionsplasmid exprimiert wird.
- 14. Expressionsplasmid, kodierend für das multivalente  $F_v$ -Antikörper-Konstrukt nach einem der Ansprüche 1-12.
  - 15. Expressionsplasmid nach Anspruch 14, nämlich pDISC3x19-LL.
  - 6. Expressionsplasmid nach Anspruch 14, nämlich pDISC3x19-SL.
  - 7. Expressionsplasmid nach Anspruch 14, nämlich pPIC-DISC-LL.
  - 8. Expressionsplasmid nach Anspruch 14, nämlich pPIC-DISC-SL.
  - Verwendung des multivalenten F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstruktes nach einem der Ansprüche 1-12 zur Diagnose und/oder Therapie von Erkrankungen.
  - ). Verwendung nach Anspruch 19, wobei die Erkrankungen virale, bakterielle oder Tumor-Erkrankungen sind.

.1998 17:00 **6. Mai 1998** 

HUBER & SCHUESSLER PATENTANW.

NR.766 S.17/25

+49 99 42724749

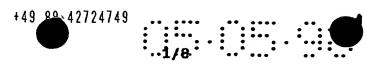


K 2534

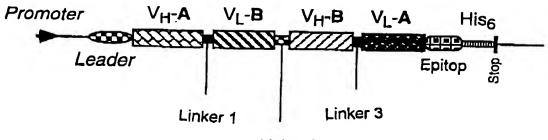
### Zusammenfassung

## Multivalente Antikörper-Konstrukte

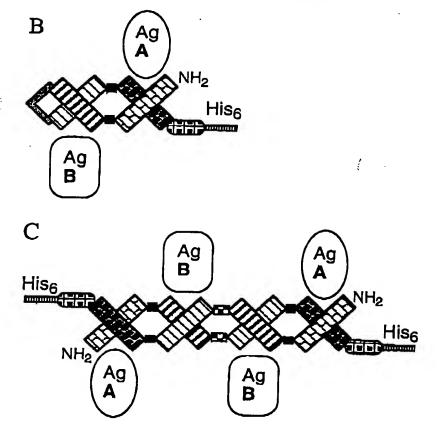
Die vorliegende Erfindung betrifft ein multivalentes F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt mit mindestens vier variablen Domänen, die über die Peptidlinker 1, 2 und 3 miteinander verbunden sind. Ferner betrifft die Erfindung Expressionsplasmide, die für ein solches F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukt codieren, und ein Verfahren zur Herstellung der F<sub>v</sub>-Antikörper-Konstrukte sowie deren Verwendung.



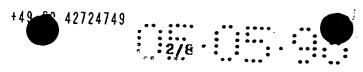
A

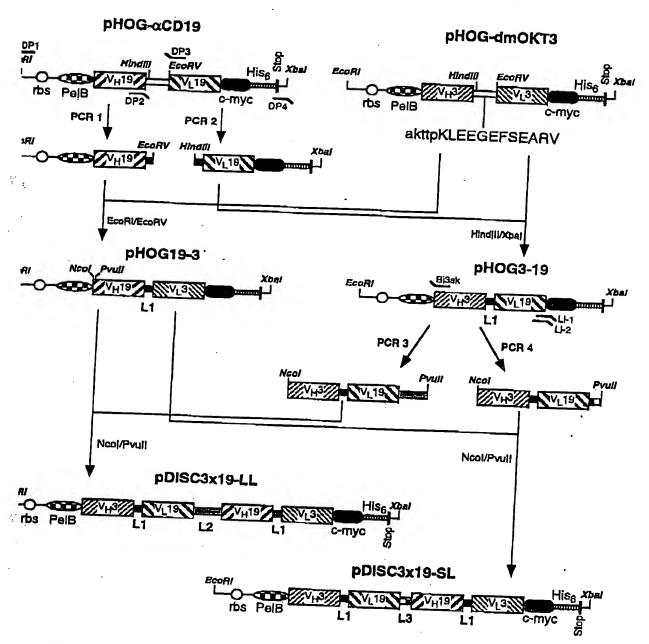






FIGUR 1





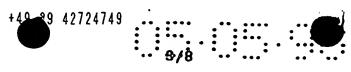
Linkers:

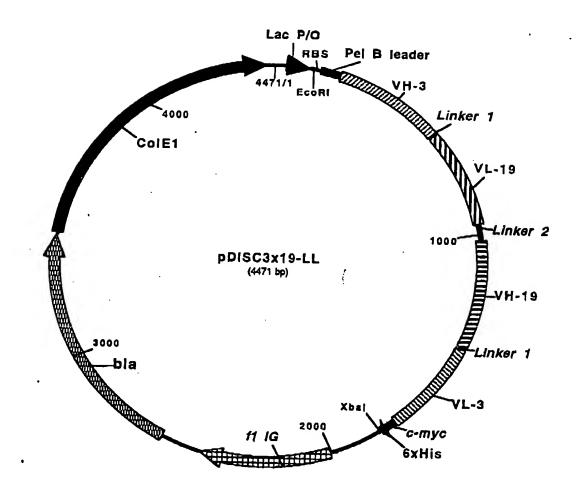
L1 = GG

 $L2 = (G_4S)_4$ 

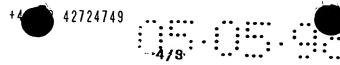
L3 = GGPGS

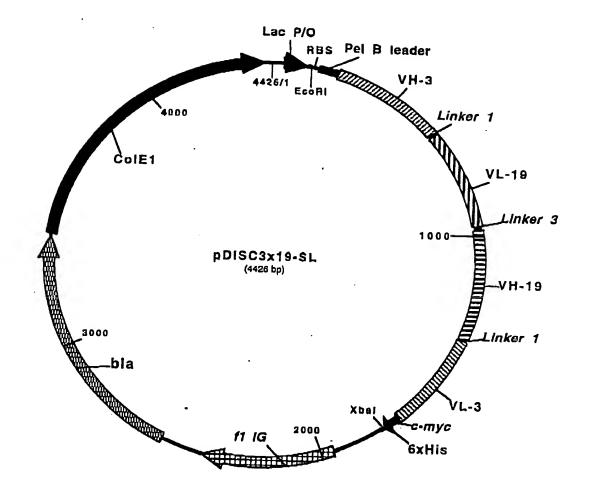
FIGUR 2





FIGUR 3





FIGUR 4

+49 42724749



EcoRi RAS PeiB leader IPM KYLLPTAAAGLLLLAAQPAM Frame-H1 92 CGCAGGIGCAACTGCAGGAGTGTGGGGAACTGGGCAAGACCTGGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGCTACACCTTTAC 22) A Q V Q L Q Q S G A E L A R P G A S V K M S C K A S G Y T F T II TAGGTACACGATGCACTOGGTAAAACAGAGGCCTGGACAGGCTCTGGAATGCATTGGATACATTAATCCTAGCCGTGGTTATAC 2P RYTMHWVKQRPGQGLEWIGYINPSRGY 7 TANTTACARTENGARGTTCARGGACARGCCACATTGACTACAGACARATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTGAGCAGCCTCAC Frame-H3 N Y N Q K F K D K A T L T T D K S S T A Y M Q L S S L T 4 ATCTGAGGACTCTGCCACTGTGCCAACATATTATGATGATCATTACAGCCTTGACTACTGGGGCCCAAGGCACCACTCTCA 9 SEDSAVYYCARYYDDRYSLDYWGQGTTL
CH1 Linker 1 Frame-L1 VL anti-CP19 0 CAGICTCCTCAGCCAAACAACAACACCCAAGCTTGGGGGGGGCATATCTTGCTCACCCAAACTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTTAGGCCAGA 8>T V S S A K T T P K L G G D I L L T Q T P A S L A V S L G Q OGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTGATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGAC BPRATISCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPG POPPKLLIYDASNLVSGIPPRFSGSGSGTDF CACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGAAGGTGGGATGCTGCAACCTTATCACTGTCAGGAAAGTAGTAGTAGGATGCGTGGAGGTTTCGGTGGA F T L N I H P V E K V D A A T Y H C Q Q S T E D P W T F G G F G T K L E I K R A D A A A G G G G G G G G G G G Pvull Frame-H1 PCCGGTGGTGGTAGCCAGGTGCAGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGG S G G G G S Q V Q L Q Q S G A R L V R P G S S V K I S C K CTTCTGGCTATCCATTCAGTAGCTAGCTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGACAGAGTTTGGC ASGYAFSSYWM NWVKQRPGQGLEWIGQIW CTGGAGATGGTGATACTACTACTACTATGGARAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACTCCTCCAGCACACAGCCTACA P G D G D T N Y N G K F K G K A T L T A D E S S T A Y TGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCCGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTATTTACTAT GCTATGGACTACTGGGGACCTCACTCACCGTCTCCTCAGCCAAAACAACACCCAAACCTTGGCGGTGATATCGTCCTCACTC A M D Y W G Q G T S V T V S S A K T T P K L G G D I V L T AGTOTOCAGCAATCATGTCTGCATCTCCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCAGTGCCAGCTCAAGTGTAAGTTAGATGAACTGG Q S P A I M S A S P G E K V T M T C S A S S S V S Y M N W TACCAGCAGAAGTCAGGCACCTCCCCCAAAAGATGGATTTATGACAGTCCAAAAGATGGAAACTGGAAAAGTGGAGTCACTTCAGGGGAA YQQKSGTSPKRWIYDTSKLASGVPAHFRG GIGGGICTEGGACCTCTIACTCTCACAATCAGCGGCATGGAGGCTGAAGATGCTGCCACTTATHACTGC<u>CAGCAGTGGAGTAGTA</u> SGSGTSYSLTISGMEAEDAATYYCQQWSSN CCCATTCACGTTCGGCTCGGGGACAAAGTTGGAAATAAACCGGCGCTGATACTGCACCAACTACTGGATCCGAACAAAAGCTGATCTCAG PFTFGSGTKLEINRADTAPTGSEQKLIS AAGAAGA CCTAAACTCACATCACCATCACCATCACTA ATCTAGA E D L N S H H H H H H

FIGUR 5

Ecoffi

+ 4 42724749 - 6/8

PelB leader 1 GAATTCATTAAAGAGGAGAAATTAACCATGAAATACCTATTGCCTACGGCAGCCGCCTGGCTTGCTGCTGCTGCCAGCCGGCCATGG IP M RYLLPTAAAGLLLLAAQPAM Frame-H1 92 CGCAGGTGCAACTGCAGCAGTCTGGGGAACTGGCAAGACCTGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTTAC 22PA Q V Q L Q Q S G A E L A R P G A S V K M S C K A S G Y T F T 183 TAGGTACACGATGCACTGCGTAAAACAGACGCCTGGACAGGGTCTGGAATGGATTGGATTACATTACATTACCCTAGCCGTGGTTATAC S2P R Y T M H W V K Q R P G Q G L E W I G Y I N P S R G Y T 267 TAATTACAATCAGAAGTTCAAGGACCAAGTTGACTACAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTGAGCAGCCTGAC Frame-H3 NYNQKFKDKATLTTDKSSSTAYMQLSSLT 354 ATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGATATTATGATGATGATGATTACAGCCTTGACTACTGGGGCCCAAGGCACCACTCTCA 109 S E D S A V Y Y C' A R Y Y D D R Y S L D Y W G Q G T T L

CH1 Linker 1 Frame-L1 VL 4ntl-CD19 440 CAGTCTCCTCAGCCAAAACAACACCCCAACCTTGGCGGTGATATCTTGCTCAGCCAAACTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTTAGGGCAGA 138 T V S S A K T T P K L G G D I L L T Q T P A S L A V S L G Q 530 GOGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTGATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGAC 168 RATISC KASQS V D Y D G D S Y L N W Y Q Q I P G 702 CACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGAAGGTGGATGCTGCAACCTTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGGACGTTCGGTGGA 225 TLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGG 790 GCACCAAGCTGCAAATCAAACGGGCTGATGCTGCGCCCCCTGGTGGGCCCAGGGTCGCAGGTCCAGCAGCTGCAGCAGCTCTGGGCCTGAGCT 255 G T K L E I K R A D A A A A G G P G S Q V Q L Q Q S G A E L 979 GOTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGC V R P G S S V K I S C K A S G Y A P S S Y W M N W V K Q R 314PP G Q G L E W I G Q I W P G D G D T N Y N G K F K G K A 051 ACTOTERCTECAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATECAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGAC 342 TLTADESSETAYMQLSSLASEDSAVYFCAR 142 GGGAGACTACGACGGTAGGCGGTTATTACTATGCTATGGACTACGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCAGCCAAAA 172 R E T T T V G R Y Y Y A M D Y W G Q G T S V T V S S A K

Linker 1 Frame-L1 VL anti-CD3 26 CAACACCCAAGCTTGGCGGTGATATCGTGCTCACTCAGTCTCCAGCAATCATGTCTGCATCTCCAGGGGAGAAGGTCACCATGACCTGCA 100) TTPKLGGDIVLTQSPAIMSASPGEKVTMTC 116 GTGCCAGCTCAAGTGTAAGTTACATGAACTGGTACCAGCAGCACCTCCCCCAAAAGATGGATTTATGACACATCCAAA 01 <u>ACTGGCTTCT</u>GGAGTCCCTGCTCACTTCAGGGGCAGTGGGTCTGGGACCTCTTACTCTCTCACAATCAGCGGCATGGAGGCTGAAGATGC 58 LABGVPAHFRGSGSGTSYSLTISGMEAEDA 91 TGCCACTTATTACTGCCAGCAGTAGTAACCCCATTCACGTTCGGCTCGGGACAAAGTTGGAAATAAACCGGGCTGATACTGC ATYYCQQWSSNPFTFGSGTKLEINRADTA PTGSEQKLISEEDLNSHЯННН .

+49-89 42724749



ATGAGATTTCCTTCAATTTTTACTGCTGTTTTATTCGCAGCATCCTCCGCATTAGCTGCTCCAGTCAACACTAC FTAVLFAASSALAAPVNTT

alpha-factor signal

AACAGAAGATGAAACGGCACAAATTCCGGCTGAAGCTGTCATCGGTTACTCAGATTTAGAAGGGGATTTCGATG T E D E T A Q I · P A E A V I G Y S D L E G D F D

TTGCTGTTTTTGCCATTTTCCAACAGCACAAATAACGGGTTATTGTTTATAAATACTACTATTGCCAGCATTGCT V A V L P F S N S T N N G L L F I N T T I A S I A

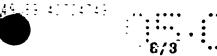
Xhol

GCTAAAGAAGAAGGGGTATCTCTCGAGAAAAGAGAGGGCTGAAGCT<u>GAATTC</u>CAGGTGCAACTGCAGCAGTC A K E E G V S L E K R E A E F Q V

VH anti-CD3

TGGGGCTGAACTGGCAAGACCTGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCT GAELARPGASVKMSCKAS

FIGUR 7





1 ATGAGATTICCTICAATTITICCTCTCTTTTATTCGCAGCATCCTCCGCATTAGCTGCTCCAGTCAACACTAC

1 M R F P S I F T A V L F A A S S A L A A P V N T T

alpha-factor signal

5 AACAGAAGATGAAACGCCACAAATTCCCCCTCAAGCTGTCATCGGTTACTCAGATTTAGAAGGGGATTTCGATG

5 T E D E T A Q | P A E A V | G Y S D L E G D F D

FIGURE THE STATE OF THE STATE O

VH anti-CD3

; CAGTCTGGGGCTGAACTGGCAAGACCTGGGGCCTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCT

D Q S G A E L A H P G A S V K M S C K A S

FIGUR 8